中国生物多样性科学研究进展评述

米湘成[1†] 冯 刚[2†] 张 健[3] 胡义波[4] 朱 丽[1] 马克平[1,5*]

1 中国科学院植物研究所 植被与环境变化国家重点实验室 北京 100093
2 内蒙古大学 生态与环境学院 呼和浩特 010021
3 华东师范大学 生态与环境科学学院 上海 200241
4 中国科学院动物研究所 北京 100101
5 中国科学院大学 北京 100049

摘要 近20年来，我国生物多样性研究快速发展，在生物多样性志书编研、生物多样性起源与演化、生物多样性维持机制及与生态系统功能和服务的关系、生物多样性威胁因素及对全球变化的响应、生物多样性与生态安全，以及生物多样性研究平台建设等方面都取得了长足进步，但生物多样性科学方面的理论性突破仍较少。为促进生物多样性研究的进一步发展，我们建议：（1）加强生物多样性科学与生物多样性保护实践及可持续利用的结合；（2）加强新技术与新方法在生物多样性研究中的应用；（3）加强与扩大国际合作。

关键词 物种编目，起源，演化，生物多样性维持机制，生态系统功能，生态系统服务，因素威胁，生态安全

DOI 10.16418/j.issn.1000-3045.20210307002

2021年，中国作为少数生物多样性特别丰富的大国之一，将主办联合国《生物多样性公约》第15次缔约方大会（COP 15），这次大会将审议通过2020年后全球生物多样性框架，明确2021—2030年全球生物多样性保护目标并制定有效的履约机制。在这一关键的时间节点，系统地回顾中国20年来生物多样性科学的重要研究进展，并总结中国生物多样性研究存在的研究空缺、不足和未来的研究重点领域，对中国今后的生物多样性科学发展具有重要意义。

在过去的20年间，从中央到地方都加大了对生物多样性研究的投入力度，通过国际合作提高研究水平的同时，还建立了一系列生物多样性研究平台，如中国生物多样性监测与研究网络等，使中国生物多样性基础和保护研究的能力得以大幅提升。中国学者在国

† 同等贡献
* 通信作者
资助项目：中国科学院战略性先导科技专项（A类）（XDA19050500）
修改稿收到日期：2021年4月3日

际SCI索引期刊生物多样性领域的年论文发表数量，由2000年左右的几十篇快速增长到2019年的1 700多篇。同时，中国也是对自然学科类研究贡献提升速度最快的国家，目前位列全球第二位；中国环境和生命科学相关研究机构被列入全球发展速度最快的前10名①，并且这两个学科都与生物多样性科学紧密相关。中国科学院在2020年“自然指数”（Nature Index）机构排名中位列全球第一。来自中国大陆的高被引学者，由2014年的113位到2019年的347位，增长接近2倍②。由此可见，中国的生物多样性研究能力已有大幅提升，中国有望在不远的将来成为生物多样性研究的强国。

本文基于中国学者在国际高影响力的期刊上发表的生物多样性研究成果，总结近20年我国生物多样性科学的研究进展，主要包括6个方面：① 生物多样性编目、志书和植被图的编研；② 生物多样性的起源、演化和地理格局；③ 生物多样性维持及与生态系统功能和服务的关系；④ 生物多样性的威胁因素及对全球变化的响应；⑤ 生物多样性与生态安全；⑥ 生物多样性研究平台建设。

1 生物多样性编目、志书和植被图的编研

1.1 生物多样性编目和志书的编研

中国有着极为丰富的生物多样性资源，这给摸清家底的调查工作带来了巨大的挑战。从20世纪50—60年代起，中国科学院先后组织850所大专院校和研究所进行了40多次自然资源综合科学考察，目标是摸清我国生物多样性资源的家底。例如，1973—1976年，第一次青藏高原科考就发现了7个植物新属、300个植物新种、20个昆虫新属和400个昆虫新种[1]。由全国80余家科研单位、312位作者、164位绘图人员经过45年编撰完成的《中国植物志》，是目前世界上篇幅最大、收录种类最丰富的一部巨著。全书80卷126册，描述了我国301科3 408属31 142种植物[2]，并修订成英文版*Flora of China*（49卷）[3]。《中国化石植物志》（4卷）概述了中国2 248种植物化石的分布、研究历史和特点，有助于重建植物界的系统发育史，推动古地理、古气候和古生态研究的发展[4]。《中国维管植物生命之树》包括3 114属和6 093种，将跨越4亿年的维管植物演化历史浓缩成一棵“生命之树”[5]。《中国动物志》（162卷）和《中国孢子植物志》（96卷）的相继出版，以及大部分省份的植物志和十几个省级动物志的编撰陆续完成，为区域生物多样性分布提供了详细的信息。《中国海洋生物图集》记载了59个门的2.8万多种海洋生物[6]。我国每年大约有2 000个新物种发表，自2008年起，《中国生物物种名录》逐年发布这些更新的物种数据。截至2020年的版本，累计收录物种及种下单元超过12万个③。上述成果的出版表明，我国基本实现了在国家水平摸清主要生物类群家底的目标，从而为进一步保护和利用丰富的生物多样性资源提供了基础资料。

为了更有效地保护和管理生物多样性，我国学者采用世界自然保护联盟（IUCN）红色名录的分类和标准，于2004—2016年2次系统地评估了物种受威胁状况。结果表明，我国鸟类、爬行类和两栖类动物的保护状况正在恶化，而哺乳动物、裸子和被子植物的保护状况正在改善[7]。因此，在保持现有对哺乳动物、裸子和被子植物保护策略和力度的同时，需要采取更加有力的措施来保护鸟类、爬行类和两栖类动物。

1.2 《中国植被图》和《中国植被志》的编研

通过3代人200多位植被学者的努力，《中国植被图集（1∶1 000 000）》[8]于2001年出版；并

① www.nature.com/collections/chdeajdica.
② https://clarivate.com/.
③ http://www.sp2000.org.cn.

于 2007 年更新为《中华人民共和国植被图（1∶1 000 000）》[9]，含 960 个群系和亚群系及 116 个植被区。2020年，《中国植被图（1∶1 000 000）》更新为 12 个植被型 866 个群系和亚群系，与前 2 期的中国植被图相比较，大约 330 万平方公里的植被类型发生了变化[10]，且有 20 余个省级植被图已经出版[11]。《中国植被》综合描述了中国主要植被类型的区系组成和分布[12]。2017 年，《中国植被志》的《中国云杉林》率先出版，标志着《中国植被志》系列丛书出版的开端[13]。这些植被图和志书的出版将为我国生物多样性保护规划和行动提供本底资料。

2 生物多样性起源、演化和生物地理格局

2.1 生物多样性的起源和演化

我国作为生物多样性的“摇篮”，许多生物群系的起源都与青藏高原及周边地区的隆升、东亚季风的形成及西部地区干旱化等密切相关[14]。越来越多的证据表明，青藏高原的原型出现在印度和欧亚板块碰撞之前的白垩纪—古近纪（约 6 000 万年前），随即在中新世到上新世之间（2 500 万年前—500 万前）有一个普遍扩张，直到新近纪都一直伴随着连续的山脉隆升和东西向中部深谷的抬升[15,16]。这些地质历史事件为许多类群的多样化和物种形成提供了生态机遇。例如，4 000 万年前欧亚板块从特提斯海的增长、印度和欧亚板块的碰撞及土尔盖海峡闭合等地质历史事件都驱动了钩虾属的多样化[17]。随着印度与欧亚板块的碰撞，一系列陆生动、植物区系多样化发生在青藏高原及其邻近地区。例如，在西藏—喜马拉雅—横断山区域，渐新世开始出现温带高山植物区系，在中新世早期到中期逐渐多样化并加速向邻近地区定居[18,19]。在中新世以后，上新世全球变冷和冰期的循环在青藏高原及周边地区催生出一个新的多样化时期。近期的研究支持青藏高原通过多种机制驱动物种多样化形成，如：异域隔离物种形成、多倍化等。近年，我国学者提出了“混合—隔离—再混合”的物种形成模型[20]，其能更好地解释青藏高原地区的快速多样化。与传统的异域物种形成机制相比，这种模式首先在种群隔离过程中形成适应性的基因，然后通过种群间的基因流产生许多新的基因组合，进而导致物种形成速度呈指数增长。

我国同样也是生物多样性演化的“博物馆”。例如，通过银杏的基因组分析，发现银杏在我国西南、南方和东部地区有 3 个“避难所”[21]；通过分析孑遗植物的分布，发现长期气候稳定的我国西南部和越南北部是孑遗植物“避难所”[22]。在国家尺度上，通过对我国被子植物谱系关系的重建和定年，结合分布数据分析，发现我国东部湿润和半湿润地区有较早分化类群的同时，也发现我国区系 66% 的属都出现在 2 300 万年前的早中新世之后。这表明，我国东部地区是整个区系生物多样性的“博物馆”，同时也是木本植物的“博物馆”和“摇篮”；我国西部干旱和半干旱地区的植物区系主要由近期的多样化事件决定，是我国生物多样性的“摇篮”[23]。

2.2 作物和家养动物的驯化

我国有 8 000 多年的作物选育历史，且全世界有超过 20% 的农作物起源于我国。另外，我国在全球主要作物和家养动物驯化中扮演了重要角色。例如，家蚕（*Bombyx mori*）在我国驯化后，沿丝绸之路传播，并培育出许多当地品种[24]。动、植物驯化研究可揭示人工选育过程中快速演化的机制，为进一步选育优良品种提供理论基础。如在人工选择的压力下，家犬（*Canis familiaris*）的脑中一些高度表达的基因演化速度快，这可能是家犬行为转化的部分分子机制[25]。水稻微效数量性状基因位点的*DTH2*（从播种到抽穗的天数）可能是人工选择适应北方长日照的靶向基因位点[26]。类似地，小麦的二倍体祖先（*Aegilops tauschii*，DD）和四倍体祖先（*Triticum turgidum*，AABB）通过杂交，形成环境适应性及

谷粒品质等都有较大提高的六倍体小麦（*Tricicum aestivum*，AABBDD），并因此成为人类的主要粮食作物。利用RNA测序技术揭示其分子机理，发现其环境适应性及谷粒品质的提高与来自二倍体小麦的农艺性状相关基因家族的扩张相关[27]。

2.3 生物多样性的地理分布

演化历史、地形、气候等因素交互作用，共同影响我国的生物多样性格局。物种多样性格局及其多尺度驱动因素在我国已得到广泛研究。例如，西南地区拥有较高比例的特有鸟类和特有植物，主要源于相对稳定的古气候[28,29]；树木物种丰富度与温度显著正相关[30]；古气候变化与现代气候、地形异质性和物种性状共同决定全球陆生脊椎动物的分布范围[31]。

我国植物的物种丰富度显著高于欧洲和北美，同时有更高的系统发育多样性，反映出区域演化历史对生物多样性格局的重要影响[32,33]。另外，有研究发现，我国裸子植物和被子植物的系统发育多样性随现代气候胁迫的增加而下降[34]；我国陆生脊椎动物的系统发育结构相对聚集，表明区域生态和进化因素影响我国动物的分布[35]；我国学者牵头的一项全球范围的研究发现，热带地区的根系功能多样性最高，而在温带和荒漠生物区系中急剧下降[36]，表明了功能多样性对物种多样性的重要影响。

3 生物多样性维持及与生态系统功能和服务的关系

3.1 群落生物多样性维持机制

在物种丰富的地区，多个共享相似资源的物种如何在局域群落内共存一直是生态学的核心问题。经典的物种共存理论认为，当稳定的种间生态位差异大于适合度差异，即种内相互限制大于种间限制时，才可能发生稳定的物种共存[37]。因此，由于种内资源竞争或同种个体间病虫害、捕食者的相互传播造成种内个体之间的负互相作用，即同种负密度制约，是生物多样性维持的重要机制[38]。我国有完整的气候带谱，这为检验热带、亚热带和温带森林的密度制约效应提供了有利条件[39]。亚热带和温带森林实验表明，病原菌和食叶昆虫可通过调节同种幼苗的密度制约效应[40]，影响植物群落的物种共存[41,42]。还有研究表明，有害真菌对同种个体的负作用有可能被外生菌根真菌的正效应完全抵消，这说明有害真菌和有益真菌（外生菌根真菌）之间相互作用决定了密度制约强度[43]。以上研究更新了我们对生物多样性维持的认知，多营养级种间互作或在决定群落多样性方面有重要的作用。

3.2 生物多样性与生态系统功能

为理解生物多样性与生态系统功能（biodiversity and ecosystem functioning，BEF）之间的关系，中、德学者在江西合作建立了世界上多样性梯度范围最广、面积最大的森林BEF实验平台（BEF-China）[44]。经过BEF-China近10年的研究，发现物种多样性几乎能使植物群落的生产力和碳储量翻倍，且生产力的正作用随时间的延长和植物的生长而增强[45]。亚热带森林不同营养级之间的物种互作及种间的功能性状差异导致了多样性对生产力的正效应[46-48]。因此，亚热带森林修复采用多物种模式更为合理。

在内蒙古草原和青藏高原建立的多个草地BEF控制实验平台，都发现了正的多样性-稳定性关系，可能由生态系统不同组分之间的异步动态所驱动。在内蒙古草原长达24年的草地多样性和稳定性关系分析表明，生态系统组分的稳定性从种间到功能群再到整个生态系统逐级上升[49]。青藏高原超过30年的长期气候变化实验表明，草种多度随气候变化增加的同时，莎草类物种的多度降低，因此群落通过群落结构的变化响应气候变化，但并不影响生态系统的生产力[50]，这说明群落组成的多样性减缓了气候变化对生产力的影响。在全国尺度，基于6 098个森林、灌木和草地样点的数据分析表明，土壤碳储量随着物种多样性和地下

生物量的增加而增加[51]。物种多样性、地上净初级生产力和地下生物量，以及降水和温度等环境因子都影响土壤碳储量[51]。

3.3 生态系统服务与经济社会发展

人类活动导致的生物多样性丧失改变了生态系统功能和稳定性，也削弱了生态系统服务[52]。但是，近几十年来我国在保护生态系统功能及改善生态系统服务方面做了大量有效的工作。例如，为了降低自然灾害风险并保持各种生态系统服务，我国在2000—2009年共投资500多亿美元，用于天然林保护工程和退耕还林计划[53]。对我国6个重点生态修复项目的评估显示：2001—2010年项目执行地区的年碳汇总量估计为132 tg，其中一半以上来自这些项目[54]。另外，大熊猫及其保护区提供的生态系统服务价值比保护成本高出约10—27倍[55]。

尽管生态系统服务与人类长期的福祉息息相关，但改善生态系统服务的某些策略可能与当地社会经济发展冲突。例如，黄土高原的植被及初级生产力恢复方案将所需用水量提高到当地水资源拥有量的上限，这可能威胁到人类对水的需求情况[56]。反之，良好的生态系统服务规划可以使环境和经济达到双赢的局面。例如，北京的水田转旱田方案成功地改善了水量和水质，并创造了成本5倍以上的经济效益[57]。

由于生态系统服务对于人类来说至关重要，因此合理的景观规划也应该充分考虑生态系统服务。例如，上海将生态系统服务纳入其生态保护红线，加强了对陆地生境的保护[58]。针对全国自然保护区的评估发现，我国自然保护区在生物多样性和关键生态系统服务保护方面没有发挥足够的作用[59]；建议建立新的保护区类别，以综合考虑生物多样性、生态系统服务和人类活动的影响。近年来，我国也提出了国家层面的生态保护红线制度，以期更好地维持生物多样性和生态系统服务。

4 生物多样性的威胁因素及对全球变化的响应

4.1 物种濒危与适应

近年来，我国已经利用基因组学方法开展了许多针对濒危物种遗传多样性、濒危历史和原因、生存和适应策略的研究。许多濒危物种种群数量和遗传多样性都非常低[60-64]，容易导致这些种群的衰退，凸显保护濒危物种遗传多样性的紧迫性。相比之下，濒危的大熊猫、藏羚羊、中华小熊猫仍具有较高水平的遗传多样性[21,60,65-66]，表明这些种群仍具有较好的环境适应性。基于这些研究工作，我国学者最近提出了2个新的保护生物学分支学科——保护演化生物学[67]和保护宏基因组学[68]。

*利用基因组信息，可以了解物种濒危的过程和驱动因素，从而更有效地保护野生动物。*例如，根据基因组数据，可以把大熊猫的进化历史追溯到800万年前，包括2次种群扩张、2次种群瓶颈和2次分化，而更新世的气候变化和近期的人类活动是大熊猫种群波动和分化的主要驱动力[65]。金丝猴和中华小熊猫表现出与大熊猫相似的历史种群波动模式[60,69]，这意味着更新世的气候变化与近期人类活动可能以类似的方式影响一些同域分布的动物。同时，更新世期间分布较窄的黔金丝猴、滇金丝猴、缅甸金丝猴和喜马拉雅小熊猫的种群数量持续降低[60,69]，凸显出保护这些物种遗传多样性的紧迫性。尽管濒危植物的种群动态与濒危哺乳动物类似，但它们种群扩张和收缩的具体时间有所不同[21,63]。了解气候变化对物种的不同影响，并结合性状数据理解濒危机制，可以使管理策略更有效，从而减轻未来气候变化对物种多样性的影响。

*全基因组研究为了解濒危物种适应策略的机制提供了新的视角。*在历史环境变化中幸存下来的物种通常进化出了适应性策略以应对生存挑战。例如，大熊猫和2个小熊猫物种之间的比较基因组学研究揭示了

形态趋同和生理趋同的遗传机制[70]。*DUOX2* 基因的假基因化可能是大熊猫低能量代谢的遗传机制[71]。此外，肠道菌群也可能在濒危物种的生存和适应中发挥重要作用。肠道菌群的宏基因组学分析确定了重要的细菌和消化酶，它们可帮助消化大熊猫竹食和金丝猴叶食中的纤维素和半纤维素[69,72]。肠道菌群还有助于其他物种适应青藏高原的极端环境[73]。

4.2 生物多样性对全球变化的响应

物种可以通过地理分布范围、物候、行为和生理可塑性的变化及适应性进化，应对全球变化[74-77]。我国较大的纬度梯度和海拔梯度为研究物种分布范围变化提供了极好的平台。例如，研究表明，过去 1 个世纪的气候变暖促进了青藏高原高山树线的上移[78]。我国植物广布种和狭域种对人类活动的响应不同，即人类活动缩小了狭域种的分布范围，却扩大了广布种的分布范围[79]。

我国的植物、昆虫和两栖动物在过去的半个世纪中均发生了物候变化[80,81]。树木年轮数据显示，随着气候变暖，青藏高原树木的生长季正在延长，包括生长季开始的提前与结束的延后[82]。相反，高原草甸和草原植被的研究表明，尽管暖春使生长季开始提前，但暖冬也导致满足低温需求的时间延后，从而最终导致春季物候推迟[83]。

物种还可以通过行为和生理的可塑性及快速的适应性进化来应对气候变化[76]。例如，即使是早期的海龟胚胎也可以在卵内移动，以适应卵内小范围的热量不均匀分布[84]。这种体温调节行为在爬行动物和鸟类中也广泛存在[85]。胚胎还可以调整其生理机能，以减少不利热条件的影响[76]。此外，入侵性海洋被膜动物——海鞘可以通过 DNA 甲基化修饰快速适应环境变化[86]。

5 生物多样性与生态安全

生物入侵和转基因作物是生物安全的 2 个重要问题，对我国乃至全球的社会、经济和生物多样性保护产生重大影响，并且已经成为政府间论坛和协定中的重要议题。近年来，我国学者对生物入侵的机制、后果和调控，以及转基因作物的利弊进行了深入研究。

5.1 生物入侵

外来物种入侵能否成功取决于物种特征、生态系统特性和物种间相互作用等多个方面。入侵植物薇甘菊（*Mikania micrantha*）的一半基因组由长末端重复的反转录转座子组成，这些转座子的 80% 来自过去 100 万年的显著扩张[87]。紫茎泽兰（*Ageratina adenophora*）通过进化将更多的氮分配给光合作用，使其生长能力更强[88]。人类协助的扩散和低的地形异质性均会提高外来爬行动物和两栖动物的扩散速度[89]。

入侵物种对我国生物多样性的不利影响广泛存在。例如，互花米草（*Spartina alterniflora*）已经使我国沿海湿地的线虫群落产生同质化[90]。与其他地区相比较，生物多样性热点地区受到了更多外来两栖、爬行动物的入侵[91]。对“一带一路”沿线国家外来陆生脊椎动物入侵风险的量化表明，有 14 个热点地区可能处在生物入侵的特定风险中[92]。

5.2 转基因作物的影响

转基因作物使人类受益的同时，也对生物多样性构成了重大威胁。一项长期评估（1990—2010 年）显示，转基因棉花的广泛种植增加了节肢动物捕食者的数量，减少了蚜虫的数量[93]，同时也增加了盲蝽的种群规模，使其成为棉花和其他作物的害虫[94]。

6 生物多样性研究平台建设

6.1 生物多样性信息学大数据平台

根据生物多样性与生态安全的信息特点和应用需求，在中国科学院战略性先导科技专项（A 类）的支持下，我国学者在 2018 年开始建设生物多样性与生态

安全大数据平台（BioONE）④。该平台有机整合国内外现存物种、古生物及其物种多样性、系统发育多样性、遗传多样性、生态系统多样性与生物安全到区域生物多样性动态监测的数据，并结合了与之对应的环境、气象、遥感、国民经济等多元数据，从而形成了以生物多样性与生态安全信息为核心的、学科交叉综合的 PB 级大数据共享与服务平台[95]，目前已实现在线共享数据 26 亿条。在数据共享平台基础上，打通数据—方法—模型的数据与信息链路，利用分析模型和可视化技术，实现对生物多样性海量数据资源的功能挖掘和利用。在此基础上，开展了基于形态解剖学大数据解读龟类起源[96]、揭示中生代蝎蛉特化传粉型口器演化之谜[97]和人类活动使狭域物种的分布区萎缩等研究[98]。大数据共享与服务平台为生命起源地演化、濒危野生动植物保护成效、国家《生物多样性保护公约》履约等重要科学研究及应用提供支撑与服务。

6.2 生物多样性监测网络

中国生物多样性监测与研究网络（Sino BON）和中国生物多样性观测网络（China-BON）监测植物、动物和微生物等多个类群的生物多样性变化。Sino BON 包括 10 个专项网（森林网、草原和荒漠网、林冠网、兽类网、鸟类网、两栖和爬行类网、昆虫网、土壤动物网、淡水鱼类网、土壤微生物网）[99]。其中，森林网建立了沿纬度梯度从寒温带到热带的 23 个大型森林监测样地[100]；林冠网在森林网的 8 个样地建立了林冠塔吊[100]；兽类网在全国 30 个代表性森林中按公里网格单元分别设置了 20—150 个红外相机，以监测陆生哺乳动物和地栖鸟类；鸟类网已经设立 16 个国际监测点和 38 个国内监测点，采用遥测技术监测 63 种候鸟的 2 569 个个体的迁徙[98]。China-BON 包括 4 个子网（兽类网、鸟类网、两栖类网和蝶类网），以及 440 个监测点和 9 000 条样线，覆盖了我国主要生态系统类型[101]。

为监测我国主要生态系统的结构和功能变化，中国生态系统研究网络（CERN）⑤采用规范监测标准和数据质量控制系统；CERN 的 44 个站点大部分已经积累 30 年以上的数据，这些数据为生态系统的动态变化机理研究提供了平台。中国森林生态系统研究网络（CFERN）现在由 9 个代表性森林类型中建立的 110 个站点组成，主要包括 2 条样带——位于东部的南北样带和位于南部沿长江从海平面到青藏高原的东西样带[102]。为了整合现有的监测平台，科学技术部从现有的网络中选择了研究基础好、监测设备完善的 53 个观测站组成了国家生态系统观测研究网络（CNERN）⑥。

国家林业和草原局建立了国家尺度的林业清查系统，监测林业资源和生物多样性的变化。在各省份采用从 2 km × 2 km 到 8 km × 8 km 的网格进行森林质量评估，并在每个网格内设立 1 个 1 亩⑦的样方，调查胸径大于 5 cm 的所有植株，每 5 年清查 1 次。从第七次调查以来，已经在全国建立了 41.5 万多个清查样地。从第一次到第九次清查，我国的森林覆盖面积占比从 1976 年的 12.69% 增长到 2019 年的 22.96%，森林蓄积量也从 8.66×10^9 m^3 增长到 17.56×10^9 m^3[103]。

6.3 生物标本馆

我国的标本馆建设起步于 20 世纪 30 年代，截至 2016 年，我国有 300 余家生物标本馆（博物馆），收藏标本量近 3 500 万号（份），主要集中在各科研机构、高等院校和自然博物馆，其中中国科学院系统的 18 个生物标本馆馆藏标本达 1 870 余万号（份），

④ https://www.bio-one.org.cn/.
⑤ http://www.cern.ac.cn.
⑥ http://cnern.cern.ac.cn/en/.
⑦ 中国市制土地面积单位，1 亩大约等于 666.667 平方米。

约占我国标本收藏量的一半[104]。

国家标本资源共享平台（NSII）⑧于2003年建立，是科学技术部科技基础条件平台之一。NSII的标本包括多个子平台[105]。NSII现在已经数字化了来自329个标本馆或博物馆的1 570万份标本及1 300万张彩色照片，为进一步研究生物多样性的分布、起源、演化和保护研究提供了重要的基础信息。

6.4 植物园

我国现在共有各种类型的植物园（树木园）162个，这些植物园覆盖了我国主要的气候区，分布于边缘热带地区（32个）、亚热带地区（68个）和温带地区（62个）。中国科学院联合国家林业局（现“国家林业和草原局”）、住房和城乡建设部共同启动建设中国植物园联盟，该联盟现有118家植物园成员单位[106]。据统计，我国162个植物园迁地保育维管植物约有396科、3 633属、23 340种（含种下等级），其中我国本土植物为288科、2 911属、约20 000种，分别占我国本土高等植物科的91%、属的86%、种的60%；迁地保育濒危及受威胁植物的数量约1 500种，约为我国记载的濒危及受威胁植物物种数量的39%；建立了1 195个植物专类园区，对我国本土植物多样性保护发挥了积极作用[106]。

6.5 种质资源库

中国农业科学院的国家种质资源库低温保存水稻、小麦、玉米、大豆等374种作物和877个野生近缘种的43万份材料，居世界第一位⑨；中国西南野生生物种质资源库已经搜集保存植物种子80 105份（隶属于10 048种），DNA材料55 175份（隶属于6 154种），离体材料23 500份（隶属于2 003种），动物种质材料53 874份（隶属于1 988种），微生物种质资源22 400份（隶属于2 240种）⑩。

7 对未来中国生物多样性研究的展望

尽管我国的生物多样性研究已经取得了显著进展，但是在生物多样性科学的概念和理论方面突破性的研究仍较少。为此，我们提出了一些建议，以供国内生物多样性学者参考。

*（1）中国生物多样性研究的优先领域。*包括：① 青藏高原及邻近地区的生物多样性数据依旧缺乏，仍有很多问题有待探讨；② 关注人类活动对我国亚热带森林生物多样性的影响；③ 加强海洋生物多样性研究；④ 平衡生物多样性保护与社会经济的发展。

*（2）生物多样性科学与生物多样性保护实践的结合。*生态文明建设作为国家战略，其具体措施包括划定生态保护红线、建立以国家公园为主体的保护地体系、禁止野生动物的贸易与消费等。生态保护红线旨在通过划定占我国面积1/4的区域来保护大部分物种及其生境[107]。基于10个国家公园的试点探索，我国提出了以国家公园为主体的保护地体系[108]。生物多样性科学研究为生态保护红线的划定、国家公园的设计与管理提供了科学基础[23,109]。然而，生物多样性研究人员、政府决策者和实际利益攸关方等多方之间的相互交流还需要进一步加强。

*（3）新技术与新方法在生物多样性研究中的应用。*基因组学与遥感等技术的革新可以进一步推动生物多样性科学的发展。我国学者在国际新一轮基因组学研究浪潮中起到了重要作用。例如，中国科学院主导的“万种鸟类基因组计划”“万种鱼类基因组计划”为更好地理解基因组多样性、生物多样性演化提供了崭新的视角。先进的遥感技术可以实时、连续地监测大尺度生态系统的变化[110,111]。虽然我国学者已经

---

⑧ http://www.nsii.org.cn/.
⑨ http://crop.agridata.cn/.
⑩ http://www.genobank.org/.

开始掌握了这些新技术与新方法，但不同学科之间的交叉研究依然较为缺乏。

（4）进一步加强与扩大国际合作。生物多样性问题需要通过全球合作才能解决。过去几十年，我国学者已经从国际合作中受益颇多。然而，我们还需要更好地维持和加强已有的国际合作项目（如亚洲植物多样性数字化、中国科学院中-非联合研究中心等）。“一带一路”倡议为生物多样性研究的国际合作提供了难得的机会[112]。与此同时，我国的多个国际生物多样性热点地区都位于与其他国家交界的地区，因此跨区域合作与研究是加强生物多样性保护的重要途径[113]。我国学者也应该在生物多样性国际组织中起到更积极的作用，为完成联合国2030年可持续发展目标作出更大的贡献。

参考文献

1 张莉, 张冬梅. 孙鸿烈谈第一次青藏高原综合科学考察. 科学通报, 2019, 64(27): 2763-2764.

2 Yang Q E, Zhu G H, Hong D Y, et al. World's largest flora completed. Science, 2005, 309: 2163.

3 Wu Z Y, Raven P H, Hong D. Flora of China. Beijing: Science Press, 2005.

4 Cui J Z. Fossil Flora of China. Beijing: Higher Education Press, 2009-2019.

5 陈之端, 路安民, 刘冰, 等. 中国维管植物生命之树. 北京: 科学出版社, 2010.

6 Liu J Y. Status of marine biodiversity of the China seas. PLoS One, 2013, 8(1): e50719.

7 Mi X C, Feng G, Hu Y B, et al. The global significance of biodiversity science in China: An overview. National Science Review, 2021, doi: 10.1093/nsr/nwab032.

8 中国科学院中国植被图编辑委员会. 中国植被图集（1 : 1000000）. 北京: 科学出版社, 2001.

9 中国科学院中国植被图编辑委员会. 中华人民共和国植被图（1 : 1000000）. 北京: 地质出版社, 2007.

10 Su Y J, Guo Q H, Hu T Y, et al. An updated *Vegetation Map of China (1:1000000)*. Science Bulletin, 2020, 65(13): 1125-1136.

11 马克平, 郭庆华. 中国植被生态学研究的进展和趋势. 中国科学： 生命科学, 2021, 51(3): 215-218.

12 中国植被编辑委员会. 中国植被. 北京: 科学出版社, 1980.

13 王国宏. 中国云杉林. 北京: 科学出版社, 2017.

14 Favre A, Päckert M, Pauls S U, et al. The role of the uplift of the Qinghai-Tibetan Plateau for the evolution of Tibetan biotas. Biological Reviews, 2015, 90(1): 236-253.

15 Kapp P, DeCelles P G. Mesozoic-Cenozoic geological evolution of the Himalayan-Tibetan orogen and working tectonic hypotheses. American Journal of Science, 2019, 319(3): 159-254.

16 Spicer R A, Su T, Valdes P J, et al. Why the 'the uplift of the Tibetan Plateau' is a myth. National Science Review, 2021, 8(1): nwaa091.

17 Hou Z, Sket B, Fišer C, et al. Eocene habitat shift from saline to freshwater promoted Tethyan amphipod diversification. PNAS, 2011, 108(35): 14533-14538.

18 Ding W N, Ree R H, Spicer R A, et al. Ancient orogenic and monsoon-driven assembly of the world's richest temperate alpine flora. Science, 2020, 369: 578-581.

19 Xing Y W, Ree R H. Uplift-driven diversification in the Hengduan Mountains, a temperate biodiversity hotspot. PNAS, 2017, 114(17): E3444-E3451.

20 He Z W, Li X N, Yang M, et al. Speciation with gene flow via cycles of isolation and migration: Insights from multiple mangrove taxa. National Science Review, 2019, 6(2): 275-288.

21 Zhao Y P, Fan G, Yin P P, et al. Resequencing 545 *Ginkgo* genomes across the world reveals the evolutionary history of the living fossil. Nature Communications, 2019, 10(1): 4201.

22 Tang C Q, Matsui T, Ohashi H, et al. Identifying long-term

stable refugia for relict plant species in East Asia. Nature Communications, 2018, 9(1): 4488.

23 Lu L M, Mao L F, Yang T, et al. Evolutionary history of the angiosperm flora of China. Nature, 2018, 554: 234-238.

24 Xiang H, Liu X J, Li M W, et al. The evolutionary road from wild moth to domestic silkworm. Nature Ecology & Evolution, 2018, 2(8): 1268-1279.

25 Li Y, von Holdt B M, Reynolds A, et al. Artificial selection on brain-expressed genes during the domestication of dog. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(8): 1867-1876.

26 Wu W, Zheng X M, Lu G, et al. Association of functional nucleotide polymorphisms at *DTH2* with the northward expansion of rice cultivation in Asia. PNAS, 2013, 110(8): 2775-2780.

27 Jia J Z, Zhao S C, Kong X Y, et al. *Aegilops tauschii* draft genome sequence reveals a gene repertoire for wheat adaptation. Nature, 2013, 496(7443): 91-95.

28 Qu Y H, Song G, Gao B, et al. The influence of geological events on the endemism of East Asian birds studied through comparative phylogeography. Journal of Biogeography, 2015, 42(1): 179-192.

29 Feng G, Mao L F, Sandel B, et al. High plant endemism in China is partially linked to reduced glacial-interglacial climate change. Journal of Biogeography, 2016, 43(1): 145-154.

30 Wang Z, Brown J H, Tang Z, et al. Temperature dependence, spatial scale, and tree species diversity in eastern Asia and North America. PNAS, 2009, 106(32): 13388-13392.

31 Li Y M, Li X P, Sandel B, et al. Climate and topography explain range sizes of terrestrial vertebrates. Nature Climate Change, 2016, 6(5): 498-502.

32 Feng G, Ma Z Y, Benito B M, et al. Phylogenetic age differences in tree assemblages across the Northern Hemisphere increase with long-term climate stability in unstable regions. Global Ecology and Biogeography, 2017, 26(9): 1035-1042.

33 Qian H, Jin Y, Ricklefs R E. Phylogenetic diversity anomaly in angiosperms between eastern Asia and eastern North America. PNAS, 2017, 114(43): 11452-11457.

34 Qian H, Deng T, Jin Y, et al. Phylogenetic dispersion and diversity in regional assemblages of seed plants in China. PNAS, 2019, 116(46): 23192-23201.

35 Yan C, Xie Y, Li X H, et al. Species co-occurrence and phylogenetic structure of terrestrial vertebrates at regional scales. Global Ecology and Biogeography, 2016, 25(4): 455-463.

36 Ma Z Q, Guo D L, Xu X L, et al. Evolutionary history resolves global organization of root functional traits. Nature, 2018, 555: 94-97.

37 Chesson P. Mechanisms of maintenance of species diversity. Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics, 2000, 31(1): 343-366.

38 Wills C, Harms K E, Condit R, et al. Nonrandom processes maintain diversity in tropical forests. Science, 2006, 311: 527-531.

39 Chen L, Comita L S, Wright S J, et al. Forest tree neighborhoods are structured more by negative conspecific density dependence than by interactions among closely related species. Ecography, 2018, 41(7): 1114-1123.

40 Liang M X, Liu X B, Gilbert G S, et al. Adult trees cause density-dependent mortality in conspecific seedlings by regulating the frequency of pathogenic soil fungi. Ecology Letters, 2016, 19(12): 1448-1456.

41 Liu X B, Etienne R S, Liang M X, et al. Experimental evidence for an intraspecific Janzen-Connell effect mediated by soil biota. Ecology, 2015, 96(3): 662-671.

42 Jia S H, Wang X G, Yuan Z Q, et al. Tree species traits affect which natural enemies drive the Janzen-Connell effect in a temperate forest. Nature Communications, 2020, 11(1): 286.

43 Chen L, Swenson N G, Ji N N, et al. Differential soil fungus

accumulation and density dependence of trees in a subtropical forest. Science, 2019, 366: 124-128.

44 Bruelheide H, Nadrowski K, Assmann T, et al. Designing forest biodiversity experiments: General considerations illustrated by a new large experiment in subtropical China. Methods in Ecology and Evolution, 2014, 5(1): 74-89.

45 Huang Y Y, Chen Y X, Castro-Izaguirre N, et al. Impacts of species richness on productivity in a large-scale subtropical forest experiment. Science, 2018, 362: 80-83.

46 Liang M X, Liu X B, Parker I M, et al. Soil microbes drive phylogenetic diversity-productivity relationships in a subtropical forest. Science Advances, 2019, 5(10): eaax5088.

47 Wang M Q, Li Y, Chesters D, et al. Multiple components of plant diversity loss determine herbivore phylogenetic diversity in a subtropical forest experiment. Journal of Ecology, 2019, 107(6): 2697-2712.

48 Bongers F J, Schmid B, Durka W, et al. Genetic richness affects trait variation but not community productivity in a tree diversity experiment. New Phytologist, 2020, 227(3): 744-756.

49 Bai Y F, Han X G, Wu J G, et al. Ecosystem stability and compensatory effects in the Inner Mongolia grassland. Nature, 2004, 431: 181-184.

50 Liu H Y, Mi Z R, Lin L, et al. Shifting plant species composition in response to climate change stabilizes grassland primary production. PNAS, 2018, 115(16): 4051-4056.

51 Chen S P, Wang W T, Xu W T, et al. Plant diversity enhances productivity and soil carbon storage. PNAS, 2018, 115(16): 4027-4032.

52 Isbell F, Gonzalez A, Loreau M, et al. Linking the influence and dependence of people on biodiversity across scales. Nature, 2017, 546: 65-72.

53 Ouyang Z Y, Zheng H, Xiao Y, et al. Improvements in ecosystem services from investments in natural capital. Science, 2016, 352: 1455-1459.

54 Lu F, Hu H F, Sun W J, et al. Effects of national ecological restoration projects on carbon sequestration in China from 2001 to 2010. PNAS, 2018, 115(16): 4039-4044.

55 Wei F W, Costanza R, Dai Q, et al. The value of ecosystem services from giant panda reserves. Current Biology, 2018, 28(13): 2174-2180.

56 Feng X M, Fu B J, Piao S L, et al. Revegetation in China's Loess Plateau is approaching sustainable water resource limits. Nature Climate Change, 2016, 6(11): 1019-1022.

57 Zheng H, Robinson B E, Liang Y C, et al. Benefits, costs, and livelihood implications of a regional payment for ecosystem service program. PNAS, 2013, 110(41): 16681-16686.

58 Bai Y, Wong C P, Jiang B, et al. Developing China's Ecological Redline Policy using ecosystem services assessments for land use planning. Nature Communications, 2018, 9(1): 3034.

59 Xu W H, Xiao Y, Zhang J J, et al. Strengthening protected areas for biodiversity and ecosystem services in China. PNAS, 2017, 114(7): 1601-1606.

60 Hu Y B, Thapa A, Fan H Z, et al. Genomic evidence for two phylogenetic species and long-term population bottlenecks in red pandas. Science Advances, 2020, 6(9): eaax5751.

61 Zhu S S, Chen J, Zhao J, et al. Genomic insights on the contribution of balancing selection and local adaptation to the long-term survival of a widespread living fossil tree, *Cercidiphyllum japonicum*. New Phytologist, 2020, 228(5): 1674-1689.

62 Zhou X M, Sun F M, Xu S X, et al. Baiji genomes reveal low genetic variability and new insights into secondary aquatic adaptations. Nature Communications, 2013, 4: 2708.

63 Yang Y Z, Ma T, Wang Z F, et al. Genomic effects of population collapse in a critically endangered ironwood tree *Ostrya rehderiana*. Nature Communications, 2018, 9: 5449.

64 Feng S H, Fang Q, Barnett R, et al. The genomic footprints of the fall and recovery of the crested ibis. Current Biology, 2019,

29(2): 340-349.
65 Zhao S C, Zheng P P, Dong S S, et al. Whole-genome sequencing of giant pandas provides insights into demographic history and local adaptation. Nature Genetics, 2013, 45(1): 67-71.
66 Ge R L, Cai Q L, Shen Y Y, et al. Draft genome sequence of the Tibetan antelope. Nature Communications, 2013, 4: 1858.
67 Wei F W, Shan L, Hu Y B, et al. Draft genome sequence of the Tibetan antelope. Scientia Sinica Vitae, 2019, 49: 498-508.
68 Wei F W, Wu Q, Hu Y B, et al. Conservation metagenomics: A new branch of conservation biology. Science China Life Sciences, 2019, 62(2): 168-178.
69 Zhou X M, Wang B S, Pan Q, et al. Whole-genome sequencing of the snub-nosed monkey provides insights into folivory and evolutionary history. Nature Genetics, 2014, 46(12): 1303-1310.
70 Hu Y B, Wu Q, Ma S, et al. Comparative genomics reveals convergent evolution between the bamboo-eating giant and red pandas. PNAS, 2017, 114(5): 1081-1086.
71 Nie Y G, Speakman J R, Wu Q, et al. Exceptionally low daily energy expenditure in the bamboo-eating giant panda. Science, 2015, 349: 171-174.
72 Zhu L F, Wu Q, Dai J Y, et al. Evidence of cellulose metabolism by the giant panda gut microbiome. PNAS, 2011, 108(43): 17714-17719.
73 Zhang Z G, Xu D M, Wang L, et al. Convergent evolution of rumen microbiomes in high-altitude mammals. Current Biology, 2016, 26(14): 1873-1879.
74 Hoffmann A A, Sgrò C M. Climate change and evolutionary adaptation. Nature, 2011, 470: 479-485.
75 Corlett R T, Westcott D A. Will plant movements keep up with climate change?. Trends in Ecology & Evolution, 2013, 28(8): 482-488.
76 Du W G, Shine R. The behavioural and physiological strategies of bird and reptile embryos in response to unpredictable variation in nest temperature. Biological Reviews, 2015, 90(1): 19-30.
77 Piao S L, Liu Q, Chen A P, et al. Plant phenology and global climate change: Current progresses and challenges. Global Change Biology, 2019, 25(6): 1922-1940.
78 Liang E Y, Wang Y F, Piao S L, et al. Species interactions slow warming-induced upward shifts of treelines on the Tibetan Plateau. PNAS, 2016, 113(16): 4380-4385.
79 Xu W B, Svenning J C, Chen G K, et al. Human activities have opposing effects on distributions of narrow-ranged and widespread plant species in China. PNAS, 2019, 116(52): 26674-26681.
80 Ge Q S, Wang H J, Rutishauser T, et al. Phenological response to climate change in China: A meta-analysis. Global Change Biology, 2015, 21(1): 265-274.
81 Shen M G, Piao S L, Dorji T, et al. Plant phenological responses to climate change on the Tibetan Plateau: Research status and challenges. National Science Review, 2015, 2(4): 454-467.
82 Yang B, He M H, Shishov V, et al. New perspective on spring vegetation phenology and global climate change based on Tibetan Plateau tree-ring data. PNAS, 2017, 114(27): 6966-6971.
83 Yu H, Luedeling E, Xu J. Winter and spring warming result in delayed spring phenology on the Tibetan Plateau. PNAS, 2010, 107(51): 22151-22156.
84 Du W G, Zhao B, Chen Y, et al. Behavioral thermoregulation by turtle embryos. PNAS, 2011, 108(23): 9513-9515.
85 Li T, Zhao B, Zhou Y K, et al. Thermoregulatory behavior is widespread in the embryos of reptiles and birds. The American Naturalist, 2014, 183(3): 445-451.
86 Huang X N, Li S G, Ni P, et al. Rapid response to changing environments during biological invasions: DNA methylation

perspectives. Molecular Ecology, 2017, 26(23): 6621-6633.

87 Liu B, Yan J, Li W H, et al. *Mikania micrantha* genome provides insights into the molecular mechanism of rapid growth. Nature Communications, 2020, 11: 340.

88 Feng Y L, Lei Y B, Wang R F, et al. Evolutionary tradeoffs for nitrogen allocation to photosynthesis versus cell walls in an invasive plant. PNAS, 2009, 106(6): 1853-1856.

89 Liu X, Li X P, Liu Z T, et al. Congener diversity, topographic heterogeneity and human-assisted dispersal predict spread rates of alien herpetofauna at a global scale. Ecology Letters, 2014, 17(7): 821-829.

90 Zhang Y Z, Pennings S C, Li B, et al. Biotic homogenization of wetland nematode communities by exotic *Spartina alterniflora* in China. Ecology, 2019, 100(4): e02596.

91 Li X P, Liu X, Kraus F, et al. Risk of biological invasions is concentrated in biodiversity hotspots. Frontiers in Ecology and the Environment, 2016, 14(8): 411-417.

92 Liu X, Blackburn T M, Song T J, et al. Risks of biological invasion on the Belt and Road. Current Biology, 2019, 29(3): 499-505.

93 Lu Y H, Wu K M, Jiang Y Y, et al. Widespread adoption of Bt cotton and insecticide decrease promotes biocontrol services. Nature, 2012, 487: 362-365.

94 Lu Y H, Wu K M, Jiang Y Y, et al. Mirid bug outbreaks in multiple crops correlated with wide-scale adoption of Bt cotton in China. Science, 2010, 328: 1151-1154.

95 马克平, 朱敏, 纪力强, 等. 中国生物多样性大数据平台建设. 中国科学院院刊, 2018, 33(8): 838-845.

96 Li C, Fraser N C, Rieppel O, et al. A Triassic stem turtle with an edentulous beak. Nature, 2018, 560: 476-479.

97 Zhao X D, Wang B, Bashkuev A S, et al. Mouthpart homologies and life habits of Mesozoic long-proboscid scorpionflies. Science Advances, 2020, 6(10): eaay1259.

98 Zhang L, Wang X, Zhang J J, et al. Formulating a list of sites of waterbird conservation significance to contribute to China's Ecological Protection Red Line. Bird Conservation International, 2017, 27(2): 153-166.

99 冯晓娟, 米湘成, 肖治术, 等. 中国生物多样性监测与研究网络建设及进展. 中国科学院院刊, 2019, 34(12): 1389-1398.

100 马克平, 徐学红. 中国森林生物多样性监测网络有力支撑生物群落维持机制研究. 中国科学：生命科学, 2020, 50(4): 359-361.

101 Xu H G, Cao M C, Wu Y, et al. Optimized monitoring sites for detection of biodiversity trends in China. Biodiversity and Conservation, 2017, 26(8): 1959-1971.

102 Niu X, Wang B. Assessment of forest ecosystem services in China: A methodology. Journal of Food, Agriculture & Environment, 2013, 11(3): 2249-2254.

103 国家林业和草原局. 中国森林资源报告（2014—2018）. 北京: 中国林业出版社, 2019.

104 贺鹏, 陈军, 乔格侠. 中国科学院生物标本馆（博物馆）的现状与未来. 中国科学院院刊, 2019, 34(12): 1359-1370.

105 肖翠, 雒海瑞, 陈铁梅, 等. 国家标本资源共享平台数字化进展与现状分析. 科研信息化技术与应用, 2017, 8(4): 6-12.

106 焦阳, 邵云云, 廖景平, 等. 中国植物园现状及未来发展策略. 中国科学院院刊, 2019, 34(12): 1351-1358.

107 Gao J X. How China will protect one-quarter of its land. Nature, 2019, 569: 457.

108 唐芳林, 闫颜, 刘文国. 我国国家公园体制建设进展. 生物多样性, 2019, 27(2): 123-127.

109 Zhang J, Qian H, Girardello M, et al. Trophic interactions among vertebrate guilds and plants shape global patterns in species diversity. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2018, 285: 20180949.

110 Asner G P, Martin R E, Knapp D E, et al. Airborne laser-guided imaging spectroscopy to map forest trait diversity and

guide conservation. Science, 2017, 355: 385-389.

111 Schneider F D, Morsdorf F, Schmid B, et al. Mapping functional diversity from remotely sensed morphological and physiological forest traits. Nature Communications, 2017, 8: 1441.

112 Hughes A C, Lechner A M, Chitov A, et al. Horizon scan of the Belt and Road Initiative. Trends in Ecology & Evolution, 2020, 35(7): 583-593.

113 Liu J, Milne R I, Cadotte M W, et al. Protect Third Pole's fragile ecosystem. Science, 2018, 362: 1368.

Review on Biodiversity Science in China

MI Xiangcheng[1†] FENG Gang[2†] ZHANG Jian[3] HU Yibo[4] ZHU Li[1] MA Keping[1,5*]

（1 State Key Laboratory of Vegetation and Environmental Change, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100093, China;

2 School of Ecology and Environment, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, China;

3 School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China;

4 Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China;

5 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China）

Abstract There have been rapid progresses in biodiversity science of China in recent two decades. These progresses have been achieved in six key respects: species catalogue, origination and evolution of biodiversity, biodiversity maintenance and its relationships with ecosystem functioning and services, threats to biodiversity and biodiversity's responses to global change, biodiversity and ecological security, and construction of research platforms. However, we still lack theoretical breakthrough in biodiversity science. For further progresses, we propose to: (1) translate basic biodiversity research into biodiversity conservation for sustainable utilization; (2) strengthen application of advanced technologies, including high-throughput sequencing, genomics, and remote sensing; and (3) strengthen and expand international collaborations.

Keywords species catalogue, origination, evolution, biodiversity maintenance, ecosystem functioning, ecosystem services, threats to biodiversity, ecological security



米湘成 中国科学院植物研究所副研究员。《生物多样性》《应用生态学报》和*Annual of Botany-Plants*编委。主要研究领域为群落生态学。E-mail: mixiangcheng@ibcas.ac.cn

MI Xiangcheng Associate Professor in Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences (CAS). Editors of *Biodiversity Science*, *Chinese Journal of Applied Ecology* and *Annual of Botany-Plants*. He focuses on community ecology. E-mail: mixiangcheng@ibcas.ac.cn

† Contributed equally to this work

*Corresponding author



冯 刚　内蒙古大学生态与环境学院副教授。内蒙古自治区党委组织部“草原英才”。近年来，以生物多样性分布格局及其多尺度维持机制为核心问题开展了一系列工作。以第一作者及通讯作者发表SCI论文20余篇，包括*National Science Review*、*Science Bulletin*、*Global Ecology and Biogeography*等重要期刊。主持省部级项目或课题3项。

E-mail: qaufenggang@163.com

FENG Gang　Associate Professor in School of Ecology and Environment, Inner Mongolia University. He was awarded the honorary title of “Grassland Talent” by the Organization Department of the Party Committee of Inner Mongolia Autonomous Region. In the past years, he has conducted series of research on the patterns and multiple-scale drivers of biodiversity distribution. He has published more than 20 papers on international journals as first author or corresponding authors. He has hosted several national and provincial level projects. E-mail:qaufenggang@163.com



马克平　中国科学院植物研究所研究员。中国科学院生物多样性委员会副主任兼秘书长、世界自然保护联盟（IUCN）亚洲区会员委员会主席。《生物多样性》主编，《中国科学：生命科学》和《林业资源管理》副主编，以及*National Science Review*、*BMC Ecology*等多个刊物编委。曾任中国科学院植物研究所所长、中国植物学会副理事长等。主持建设中国森林生物多样性监测与研究网络（CForBio）、中德亚热带森林生物多样性与生态系统功能实验研究平台（BEF-China）和中国国家标本资源共享平台（NSII）等生物多样性科学研究平台。在生物多样性维持机制和保护生物地理学研究方面取得重要进展。发表学术论文400余篇，其中SCI论文250多篇，主编专著和学术论文集等20多部。

E-mail: kpma@ibcas.ac.cn

MA Keping　Professor of Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences (CAS), Chair of the IUCN Asia Regional Members' Committee, Vice Chair and Secretary-General of Biodiversity Committee of CAS, a member of Board of Directors for Species 2000, Chair and Initiator of Asia Biodiversity Conservation and Database Network (ABCDNet), Editor-in-Chief of *Biodiversity Science*, Vice Editor-in-Chief for *Science China Life Science*, editor of *National Science Review*, *BMC Ecology*, etc. He initiated biodiversity research platforms such as the Chinese Forest Biodiversity Monitoring Network (CForBio), National Specimen Information Infrastructure (NSII). He has made important contribution to fields in biodiversity maintenance and conservation biogeography. He has published more than 250 SCI index papers in journals including *Science*, *Science Advances*, *PNAS*, and more than 20 books as Editor-in-Chief.

E-mail: kpma@ibcas.ac.cn

■责任编辑：岳凌生